

プログラム名：セレンディピティの計画的創出による新価値創造

P M 名：合 田 圭 介

プロジェクト名：細胞刺激技術開発

委 託 研 究 開 発

実 施 状 況 報 告 書 (成 果)

平成 27 年度

研究開発課題名：

Euglena 藻を中心とする遺伝資源の探索のためのゲノム情報基盤の整備

研究開発機関名：

国立研究開発法人理化学研究所

研究開発責任者：

持田 恵一

I 当該年度における計画と成果

1. 当該年度の担当研究開発課題の目標と計画

プロジェクト2 チーム1の掲げる研究開発目標のうち、特に、現状解明する余地のある *Euglena* 藻をはじめとする微細藻類がもつ有用な遺伝資源の探索に必要なゲノム情報基盤の整備を行う。具体的には、代表的な *Euglena* 藻系統の全ゲノム解読を行い、当プロジェクトを推進するための基盤情報を整備する。また、同 *Euglena* 藻系統について、様々な条件下におけるトランスクリプトームを RNA-seq 法によって解析し、転写単位と遺伝子発現に関する情報を整備する。これらの基盤情報をデータベースとして統合することで、*Euglena* 藻における有用遺伝子や有用プロモーター領域の情報、形質転換 *Euglena* を効率よく作成するための基礎情報を提供する。

2. 当該年度の担当研究開発課題の進捗状況と成果

2-1 進捗状況

Euglena 藻系統の *E. agilis* の全ゲノム解読データの解析を行った。*E. agilis* の全ゲノムのコアコンポーネットの約 90%に相当するゲノムスキップフォールドの構築を行った。また、ユーグレナ社から提供された *E. agilis* および *E. gracilis* のトランスクリプトーム解析を RNA-seq により行った。さらに、*Euglena* のゲノムおよびトランスクリプトーム情報を統合したデータベースを Web 上に公開し、Impact プログラムに関わる研究者が、*Euglena* 藻関連のゲノム情報にアクセス出来る環境を提供した。

2-2 成果

【目標1】代表的な *Euglena* 藻系統の全ゲノム解読を行い、プロジェクトを推進するための基盤情報を整備する。

E. agilis 系統の全ゲノム解読データの解析を行い、全ゲノムのコアコンポーネットの約 90%に相当するゲノムスキップフォールドの構築に成功した。このスキップフォールド上にタンパク質をコードする遺伝子を同定し、それらの機能推定を行った。また、トリパノゾーマ等のユーグレナと類縁関係にある種を含む、生物種の遺伝子と網羅的な比較解析を行い、*Euglena* の遺伝子との同祖関係を推定した。また、*E. agilis* のゲノム構造の特徴付けを行い、ゲノム情報を充実させた。

【目標2】*Euglena* 藻系統について、様々な条件下におけるトランスクリプトームを RNA-seq 法によって解析し、転写単位と遺伝子発現に関する情報を整備する。

ユーグレナ社から提供された *E. agilis* および *E. gracilis* の RNA サンプルを次世代シーケンサーで解読し、種々の組織で発現する遺伝子の種類と発現量を網羅的に明かにした。それらのデータは、目標1で構築したゲノム情報と統合し、転写単位と遺伝子発現に関する情報として整備した。

【目標 3】、*Euglena* 藻における有用遺伝子や有用プロモーター領域の情報、形質転換 *Euglena* を効率よく作成するための基礎情報を提供する。

目標 1 および目標 2 で得られたゲノムおよびトランスクリプトーム情報を統合し、Web 上からアクセスできるデータベースとして公開した。Impact プログラムに関わる研究者が、*Euglena* 藻関連のゲノム情報にアクセス出来る状態を構築した(図 1)。



図 1 *Euglena* genome database の Web サイト

2-3 新たな課題など

実用 *Euglena* としては、*E. gracilis* が用いられている。*E. agilis* のゲノム情報に加えて、*E. gracilis* のゲノム情報がある程度整備することが求められている。*E. gracilis* のトランスクリプトーム情報の整備を進めたものの実用 *Euglena* 種で利用できるプロモーター等の制御配列や有用遺伝子の探索を進める上で *E. agilis* に加えて *E. gracilis* のゲノム情報は非常に役立つ。

3. アウトリーチ活動報告

なし。